

10/524295

BT01 Rec'd PCT/PTO 11 FEB 2005

WO 2004/018696

PCT/DE2003/002747

Prinzenberg\_Sequenzen.ST25  
SEQUENCE LISTING

<110> TransMIT Gesellschaft für Technologietransfer mbH

<120> Verfahren zur Bestimmung des allelischen Zustandes am 5'-Ende des  
alphaS1-Kaseingens

<130> An127/Pri

<140> DE 102 38 433.9

<141> 2002-08-16

<160> 8

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 20

<212> DNA

<213> Bos spec.

<220>

<221> Primer1

<222> (1)..(20)

<223> Länge: 20 Basenpaare  
Art: Nukleinsäure  
Strangform: einzel  
Topologie: linear

<400> 1  
gaatgaatga actagttacc

20

<210> 2

<211> 18

<212> DNA

<213> Bos spec.

## Prinzenberg\_Sequenzen.ST25

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; Primer 2

&lt;222&gt; (1)..(18)

<223> Länge: 18 Basenpaare  
Art: Nukleinsäure  
Strangform: einzel  
Topologie: linear

&lt;400&gt; 2

gaagaagcag caagctgg

18

&lt;210&gt; 3

&lt;211&gt; 19

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Bos spec.

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; Primer 3

&lt;222&gt; (1)..(19)

<223> Länge: 19 Basenpaare  
Art: Nukleinsäure  
Strangform: einzel  
Topologie: linear

&lt;400&gt; 3

ccttgaaata ttctaccag

19

&lt;210&gt; 4

&lt;211&gt; 1061

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Bos taurus

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; alpha-S1Kaseingen

&lt;222&gt; (1)..(1061)

&lt;223&gt; Beginn Exon 1 bei Position 620

&lt;300&gt;

&lt;301&gt; Koczan Dirk, Hobom Gerd, Seyfert Hans-Martin

Prinzenberg\_Sequenzen.ST25

<302> Genomic organization of the bovine alpha S1-casein gene  
 <303> Nucleic acids research  
 <304> 19  
 <305> 20  
 <306> 5591  
 <307> 1991-09-24  
 <308> X59856  
 <309> 1991-07-18  
 <313> (1)..(1061)

<300>  
 <308> EMBL X59856  
 <309> 1991-07-18  
 <313> (1)..(1061)

<400> 4  
 gaatgaatga actagttacc acaactagta cacccaaaat gaacaaaaaa tagcttggtg 60  
 gtataattaa aatgccacca aaattttatac aataattata ttttcttttt gcaggaaaaa 120  
 gattagacca catataatgt aacttatttc acaaggtaaa taattataat aaataatatg 180  
 gattaactga gttttaaaag gtgaaataaa taatgaattc ttctcatggt cttgtatggt 240  
 aataaaaatt gaaaaatttt gaagacccca ttttgtccca agaatttcat ttacaggtat 300  
 tgaatttttc aaaggttaca aaggaaattt tattgatata ataaatgcat gttctcataa 360  
 taaccataaa tctagggttt tggtgggggt tttttttggt tgtaattta gaacaatgcc 420  
 attccatttc ctgtataatg agtcacttct ttgttgtaaa ctctccttag aatttcttgg 480  
 gagaggaact gaacagaaca ttgatttcct atgtgagaga attccttagaa tttaaataaa 540  
 cctgttggtt aaactgaaac cacaaaatta gcattttact aatcagtagg tttaaatagc 600  
 ttggaagcaa aagtctgcca tcaccttgat catcaaccca gcttgctgct tcttcccagt 660  
 cttgggttca aggtattatg tatacatata acaaaatttc tatgattttc ctctgtctca 720  
 tctttcattc ttcactaata cgcagttgta acttttctat gtgattgcaa gtattggtac 780  
 tttcctatga tatactgtta gcttaaaaat atatttgcaa atgttgatac tatctatctc 840  
 agagctatag gtgaaaaatt aaatactttt ataaagacca aattgatcat ttttaaacga 900  
 aattcttata tactgaaaat gtagatacat aacttcagta tagatttatg gtaaaataat 960  
 ttgaatcatt tttgtcaaat tctgtaaaaa gttgtcatatc agaataattt ataataattt 1020  
 tgttttcata gaaataacat ttctggtaga atatttcaag g 1061

## Prinzenberg\_Sequenzen.ST25

<210> 5  
 <211> 652  
 <212> DNA  
 <213> Bos taurus

<220>

<221> CSN1S1-Gen, 5`flankierende Region bis Position 616 und Exon 1 ab Position 617

<222> (1)..(652)

<223> Mutation/SNP Position 83 (A zu G), Position 98 (A zu G), Position 298 (A zu C), Position 442 (A zu G; Änderung/Verlust einer YY1- und AP1-Bindungsstelle), Position 541 (G zu A); Deletion TT zwischen Position 389 und 394 verglichen mit Allel2

<400> 5  
 gaatgaatga actagttacc acaactagta cacccaaaat gaacaaaaaa tagcttggtg 60  
 gtataattaa aatgccacca aagttttatac aataattgta ttttcttttt gcaggaaaaa 120  
 gattagacca catataatgt aacttatttc acaaggtaaa taattataat aaataatatg 180  
 gattaactga gttttaaaag gtgaaataaa taatgaattc ttctcatggt cttgtatggt 240  
 aataaaaatt gaaaaatttt gaagacccca ttttgtcca agaatttcct ttacaggtat 300  
 tgaatttttc aaagggttaca aaggaaattt tattgatata ataaatgcat gttctcataa 360  
 taaccataaa tctagggttt tgttgggggt tttgtttgt taatttagaa caatgccatt 420  
 ccatttcctg tataatgagt cgcttccttg ttgtaaactc tccttagaat ttcttgggag 480  
 aggaactgaa cagaacattg atttcctatg tgagagaatt cttagaattt aaataaacct 540  
 attgggttaa ctgaaaccac aaaattagca ttttactaat cagtaggttt aaatagcttg 600  
 gaagcaaaag tctgccatca cttgatcat caaccagct tgctgctttc tt 652

<210> 6  
 <211> 654  
 <212> DNA  
 <213> Bos taurus

<220>

<221> CSN1S1-Gen, 5`flankierende Region und Exon 1

<222> (1)..(654)

<223> Bindungsstelle für Transkriptionsfaktor AP-1 bei Position 438 bis 445  
 Bindungsstelle für Transkriptionsfaktor YY-1 bei Position 443 bis 448

## Prinzenberg\_Sequenzen.ST25

```

<400> 6
gaatgaatga actagttacc acaactagta cacccaaaat gaacaaaaaa tagcttggtg      60
gtataattaa aatgccacca aaattttatac aataattata ttttcttttt gcaggaaaaa      120
gattagacca catataatgt aacttatttc acaaggtaaa taattataat aaataatatg      180
gattaactga gttttaaaag gtgaaataaa taatgaattc ttctcatggt cttgtatggt      240
aataaaaatt gaaaaatttt gaagacccca ttttgtccca agaatttcac ttacaggtat      300
tgaatttttc aaagggttaca aaggaaattt tattgatata ataaatgcat gttctcataa      360
taaccataaa tctagggttt tgttgggggtt tttttgttt gttaatttag aacaatgcca      420
ttccatttcc tgtataatga gtcacttctt tgttgtaaac tctccttaga atttcttggg      480
agaggaactg aacagaacat tgatttccta tgtgagagaa ttcttagaat ttaaataaac      540
ctgttggtta aactgaaacc acaaaattag cattttacta atcagtaggt ttaaataagct      600
tggaagcaaa agtctgccat caccttgatc atcaaccag cttgctgctt tctt          654

```

<210> 7

<211> 650

<212> DNA

<213> Bos taurus

<220>

<221> CSN1S1-Gen, 5`flankierende Region

<222> (1)..(650)

<223> Bindungsstelle für Transkriptionsfaktor AP-1 bei Position 434 bis  
441  
Bindungsstelle für Transkriptionsfaktor YY-1 bei Position 439 bis  
444  
Deletion G und TTT zw. 390 und 396 verglichen mit Allel 2

```

<400> 7
gaatgaatga actagttacc acaactagta cacccaaaat gaacaaaaaa tagcttggtg      60
gtataattaa aatgccacca aaattttatac aataattata ttttcttttt gcaggaaaaa      120
gattagacca catataatgt aacttatttc acaaggtaaa taattataat aaataatatg      180
gattaactga gttttaaaag gtgaaataaa taatgaattc ttctcatggt cttgtatggt      240
aataaaaatt gaaaaatttt gaagacccca ttttgtccca agaatttcac ttacaggtat      300
tgaatttttc aaagggttaca aaggaaattt tattgatata ataaatgcat gttctcataa      360
taaccataaa tctagggttt tgttgggggtt tttttgttta atttagaaca atgccattcc      420
atttcctgta taatgagtca cttctttggt gtaaactctc cttagaattt cttgggagag      480

```

## Prinzenberg\_Sequenzen.ST25

```

gaactgaaca gaacattgat ttcctatgtg agagaattct tagaatttaa ataaacctgt 540
tgggttaaaact gaaaccacaa aattagcatt ttactaatca gtaggttttaa atagcttgga 600
agcaaaaagtc tgccatcacc ttgatcatca acccagcttg ctgctttctt 650

```

&lt;210&gt; 8

&lt;211&gt; 650

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Bos taurus

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CSN1S1-Gen, 5`flankierende Region

&lt;222&gt; (1)..(650)

<223> Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren: AP-1 bei Position 434 bis 441, ABF1 bei Position 469 bis 483, YY-1 bei Position 439 bis 444;  
 Mutation (SNP) in Position 480 (G zu C), damit entsteht eine ABF1-Bindungsstelle;  
 Deletion G und TTT zwischen Position 390 und 396 verglichen mit A11el 2

```

<400> 8
gaatgaatga actagttacc acaactagta caccacaaat gaacaaaaaa tagcttggtg 60
gtataattaa aatgccacca aaatttatac aataattata ttttcttttt gcaggaaaaa 120
gattagacca catataatgt aacttatttc acaaggtaaa taattataat aaataatatg 180
gattaactga gttttaaaag gtgaaataaa taatgaattc ttctcatggt cttgtatggt 240
aataaaaatt gaaaaatttt gaagacccca ttttgtccca agaatttcat ttacaggtat 300
tgaatttttc aaagggtaca aaggaaattt tattgatata ataaatgcat gttctcataa 360
taaccataaa tctagggttt tgttgggggt ttttttgtaa atttagaaca atgccattcc 420
atttcctgta taatgagtca cttctttggt gtaaactctc cttagaattt cttgggagac 480
gaactgaaca gaacattgat ttcctatgtg agagaattct tagaatttaa ataaacctgt 540
tgggttaaaact gaaaccacaa aattagcatt ttactaatca gtaggttttaa atagcttgga 600
agcaaaaagtc tgccatcacc ttgatcatca acccagcttg ctgctttctt 650

```